



Fig. 3A

SEQ ID NO: 7	1	L.....	60
SEQ ID NO: 9		VS.....	
SEQ ID NO: 11		MAITATISVPLTSPSRRLTTSVNSLSPLSTRSTLPTPQRTFKYPNSRLVSSMSTETAVK	
SEQ ID NO: 13		.....	
SEQ ID NO: 14		.....	
SEQ ID NO: 7	61	.....	120
SEQ ID NO: 9		.....GADGV	
SEQ ID NO: 11		TSSASFLNRKESGFLHFAKYHGLGNDFVLIDNRDSSSEPKISAEKAVQLCDRNFVGADGV	
SEQ ID NO: 13		.....ALHFVKYQGLGNDFIMVDNRDSAVPKVTPPEAAKLCDRNFGXGADGV	
SEQ ID NO: 14		.....MALSFVKYHGLGNDFILVDNRQSTPECLTPDQAQQLCDRHFHGADGV	
SEQ ID NO: 7	121	.....PEMCGNGVRCFARFIAELENLQGTNRFTIHTGAGKIV	180
SEQ ID NO: 9		IFVMPGVNGADYTMRIFNSDGSEPEMCGNGVRCFARFIAELENLQGTHSFKIHTGAGLII	
SEQ ID NO: 11		IFVLPGISGTDYTMRIFNSDGSEPEMCGNGVRCFAKFVSQLENLHGRHSFTIHTGAGLII	
SEQ ID NO: 13		IFVLPGVNGADYTMRIFNSDGSNRNWX.GFV.....	
SEQ ID NO: 14		IFALPGQGGTDYTMRIFNSDGSEPEMCGNGIRCLAKFLADLEGVEEK.TYRIHTLAGVIT	
SEQ ID NO: 7	181	PEIQSDGQVKVDMGEPILSGLDIPTKLLATKNKAVVQAEGLTWHVTCVSMGNPHCV	240
SEQ ID NO: 9		PEIQNDGKVKVDMGQPILAC.....	
SEQ ID NO: 11		PEVLEDGNVRVDMGEPVLKALDVP TKLPANKDNVVKSQLVVDGVIWHVTCVSMGNPHCV	
SEQ ID NO: 13		.....	
SEQ ID NO: 14		PQLIADGQVKVDMGEPQLLAELIPTTLAPAGEK.VVDLPLAVAGQTWAVTCVSMGNPHCL	

SEQ ID NO: 7	TFGANELKVLQVDDLLKLSEIGPKFEHHMF	PARTNT	TEFVQVLSRSHLKMRVW	ERGAGATL	241	300
SEQ ID NO: 9	TFREGSQNLLVDELKLA	EIGPKFEHHEVFPARTNT	TEFVQVLSNSHLKMRVW	ERGAGATL		
SEQ ID NO: 11	TFREGSQNLLVDELKLA	EIGPKFEHHEVFPARTNT	TEFVQVLSNSHLKMRVW	ERGAGATL		
SEQ ID NO: 13	TFVDD	.....VDSINL	TEIGPLFEHH	PQFSQRTNT	TEFIQVLGSDRLKMRVW	ERGAGITL
SEQ ID NO: 14	TFVDD	.....VDSINL	TEIGPLFEHH	PQFSQRTNT	TEFIQVLGSDRLKMRVW	ERGAGITL
SEQ ID NO: 7	ACGTGACAVVAAV	LEGRAERKC	VVDLP	GGPLEIEWREDDNH	VYMTGPAE	VVFGSVVH
SEQ ID NO: 9	ACGTGACATVAAV	LEGRAGRNCT	VDLP	GGPLQIEWREEDNH	VYMTGSAD	VVYGS
SEQ ID NO: 11	ACGTGACATVAAV	LEGRAGRNCT	VDLP	GGPLQIEWREEDNH	VYMTGSAD	VVYGS
SEQ ID NO: 13	ACGTGACATVAAV	LTGRGDRR	CTVEL	PGGNLEIEWSA	QDNRLLYMTGPA	QRVFSGOAEI
SEQ ID NO: 14	ACGTGACATVAAV	LTGRGDRR	CTVEL	PGGNLEIEWSA	QDNRLLYMTGPA	QRVFSGOAEI

Fig. 4A

SEQ ID NO: 24	1	ASSSLFQSLPFSLQTSK.PYAPPKPAAHFVVRA.....QSP	60
SEQ ID NO: 26		LTQNNNSSSKHRRPAD	
SEQ ID NO: 27		.....LSSCLFNASVSSLNPKQDPIRRHRSTSLLRHPVVISCTADGN	
		NIKAPIETAVKPPHRTE	
SEQ ID NO: 20	61	.....MENGAATNGASEKSHSPS	120
SEQ ID NO: 22		.....ENIRDEARRINAPHDHHLFSAKYVPFNADSSSSSTESYS	
SEQ ID NO: 24		SLDEIVYRSQSGLLDVQHDM	
SEQ ID NO: 26		.....DNIRDEARR.NRSNAVNPFSAKYVPFNA...APGSTESYS	
SEQ ID NO: 27		SLDEIVYRSRSGLLDVEHDM	
SEQ ID NO: 16	121	.....QTYLSTRGDDYGLSFETW.....DAL	180
SEQ ID NO: 18		KRFDGEYWRNLFDSRVGKTTWPYGS	
SEQ ID NO: 20		GVWSKKEWLPEIHDDDIVSAFEGNSNLF	
SEQ ID NO: 22		FWAE.....EALKRFDGAYWRDLFDSRVGKSTWPYGS	
SEQ ID NO: 24		GVWSKKEWLPEIDDDDIVSAFEGNSNLF	
SEQ ID NO: 26		FWAE.....	
SEQ ID NO: 27			
SEQ ID NO: 16	181	.....VGCASTGDTSA	240
SEQ ID NO: 18		.....LKGLAADGGLFLPEEVPAATEWQSWKDL	
SEQ ID NO: 20		PYTELAVKV.....RFGKQFLGMNDLWVKHCGISHTG	
SEQ ID NO: 22		SFKDGLGMTVLVSQVNRLRKMNRPVVGV	
SEQ ID NO: 24		CASTGDTSA.....RFGKQFLGMNDLWVKHCGISHTG	
SEQ ID NO: 26		SFKDGLGMTVLVSQVNRLRKMNRPVVGV	
SEQ ID NO: 27		CASTGDTSA	

Fig. 4B

SEQ ID NO: 16	241	ALSAYCAAAGIPAIVFLPADRISLQQLIQPIANGATVLSLDTDFDGCMLIREVTAELPI	300
SEQ ID NO: 18		.....	
SEQ ID NO: 20		.LSLYISPAEVPTE.....DLRALVER.....	
SEQ ID NO: 22		.....	
SEQ ID NO: 24		ALSAYCASAAPISIVFLPANKISLAQLVQPIANGAFVLSIDTDFDGCMLIREVTAELPI	
SEQ ID NO: 26		.....LIQPIANGATVLSLDTDFDGCMLIREVTAELPI	
SEQ ID NO: 27		ALSAYCASAGIPISIVFLPANKISMAQLVQPIANGAFVLSIDTDFDGCMLIREITAELPI	
SEQ ID NO: 16	301	YLANSLNPL.RLEGQKTAAEIILQQFNWQVPDWVIVPGGNLGNIIYAFYKGFEMCRVLGLV	360
SEQ ID NO: 18		.....	
SEQ ID NO: 20		.....SYSTFRSKEVVPLVKLEDNLHLLFLFHGPNYSF.....	
SEQ ID NO: 22		.....	
SEQ ID NO: 24		YLANSLNSL.KLEGQKTAAEIILQQFDWQVPDWVIVPGSNLGNIIYAFYKGFQELGLV	
SEQ ID NO: 26		YLANSLNSL.XLEGQKTAAIRDIATXNWQVPGLGHIPRRQSXTFYAFLQGF.....	
SEQ ID NO: 27		YLANSLNSL.RLEGQKTAAEIILQQFDWQVPDWVIVPGGNLGNIIYAFYKGFQELGLV	
SEQ ID NO: 16	361	DRVPRLVCAQAANANPLYRYKSGWTEFEPQTAETTFASAIQIGDPVSDRAVVALKATD	420
SEQ ID NO: 18		.....	
SEQ ID NO: 20		.....KDCALQFLGNLXEYF.....	
SEQ ID NO: 22		.....	
SEQ ID NO: 24		DKIPRLVCAQAANADPLYLYFKSGWKEFKPVKSSTTFASAIQIGDPVSDRAVHALKSCD	
SEQ ID NO: 26		.....	
SEQ ID NO: 27		DRIPRMVCAQAANANPLYLHYKSGWKDFKPMTASTTFASAIQIGDPVSDRAVVALKKN	

Fig. 4C

SEQ ID NO: 16	421	GIVEEATEEEELMDATALADRTGMFACPH	480
SEQ ID NO: 18		GTGVALAALFKLQGQRIIGPNDRTVVSTA	
SEQ ID NO: 20		HGL	
SEQ ID NO: 22		.....DAMVQADSTGMFICPHTGVALA	
SEQ ID NO: 24		ALIKLNRGVIGAGERVVVSTA	
SEQ ID NO: 26		HGL	
SEQ ID NO: 27		GIVEEATEEEELMDATAQADSTGMFICP	
		HGTGVALTALFKLRNSGVIKATDRTVV	
		STA	
		HGL	
		GIVEEATEEEELMDAMAQADSTGMFICP	
		HGTGVALTALFKLRNQGVIAPTDRTVV	
		STA	
		HGL	
SEQ ID NO: 16	481	KFTQSKIDYHDKNIKDMVCQYANPPI	537
SEQ ID NO: 18		SVKADFGSVM	
SEQ ID NO: 20		DLQKN.....LNGKI...	
SEQ ID NO: 22		.....MACKYSNPPVSVKADFGAVMD	
SEQ ID NO: 24		VLKKR.....LKGKL...	
SEQ ID NO: 26		.....KFAQSKIDYHSGLI	
SEQ ID NO: 27		PCMG.RYANPLVSVKADFGSVM	
		DLKDSCTTSPPTLTSLDVAK	
		KFTQSKIDYHDKDIKDMACRYANPP	
		MQVKADFGSVM	
		DLKTY.....LQSKA..H	
		.....KFTQSKIDYHSNAIPDMA	
		CRFSNPPVDVKADFGAVMD	
		VLSY.....LGSNTLT	
		LS	

1	SEQ ID NO:29	.....	60
	SEQ ID NO:31	.....	
	SEQ ID NO:33	.....	
	SEQ ID NO:34	MASHDYLLKILTARVYDVAFETELEPARNLSARLRNPVYLKREDNQPVFSFKLRGAYNKM	
61	SEQ ID NO:29	.....TVVLEGD	120
	SEQ ID NO:31	.....	
	SEQ ID NO:33	.....	
	SEQ ID NO:34	AHIPADALARGVITASAGNHAQGVAFSAARMGVKAVIVVPTTPQVKVDVRAHGGPGVE	
121	SEQ ID NO:29	SYDEAAQSYAK...LRCQQE.GRTFVPPFDHPDVIITGGTIGMEIVRQLQGPLHAI FVP	180
	SEQ ID NO:31	.....	
	SEQ ID NO:33	.....	
	SEQ ID NO:34	VIQAGESYSDAYAHALKVQEEERGLTFVHPFDDPYVIAGQGTIAMEILRQHQGPIHAI FVP	
181	SEQ ID NO:29	VGGGLIAGIAAYVKVRPEVKIIGVEPSDANAMALSCHGKRVMLEHVGGFADGVAVKA	240
	SEQ ID NO:31	.....	
	SEQ ID NO:33	.....	
	SEQ ID NO:34	IGGGLAAGVAAVYKAVRPEIKVIGVQAEDSCAMAQSLQAGKRVELAEVGLFADGTAVKL	
241	SEQ ID NO:29	VGEETFRLCRELVDGIVMVSRDCAICASIKDMFEKRSILEPAGALALAGAEAYCKYYNLK	300
	SEQ ID NO:31	.....	
	SEQ ID NO:33	.....	
	SEQ ID NO:34	VGEETFRLCKEYLDGVVTVDTDALCAAIKDVFQDTRSVLEPSPGALAVAGAKLYAEREGIE	

Fig. 5B

SEQ ID NO: 29	301	GETVVAITSGANMNFDRRLRLVTELADVGRKREAVLATFLPERQGSFKKFTELVGRMNITE	360
SEQ ID NO: 31		. . NIVAITSGANMNFDKLRVVTELANVGRKQEAVLATVMAEEPGSFQFCELVGQMNITE	
SEQ ID NO: 33		.....	
SEQ ID NO: 34		NQTLVAVTSGANMNFDRMRFVAERAEVGEAREAVFAVTIPEERGSFKRFCSLVGDRNVTE	
SEQ ID NO: 29	361	FKYRYDSNAKDALLVYSVGITYTDNELGAMMDRMESAKLRTVNLTDNDLAKDHLRYFIGGR	420
SEQ ID NO: 31		FKYRYNSNEK.AVVLYSVGVHTISELRAMQERMESSQLKTYNLTESDLVKDHLRYLMGGR	
SEQ ID NO: 33		.....	
SEQ ID NO: 34		FNYRI.ADAQSAHIFVGVQIRRRGESADIAANFESHGFKTADLTTHDELSKEHIRYMVGGR	
SEQ ID NO: 29	421	SEIK.DELVYRFIFPERPGALMKFLDTFSPRWNI SLFHYRAQGEAGANVLVGIQVPPAEF	480
SEQ ID NO: 31		SNVQ.NEVFVVSXPXPRKTGALMKFLDXFSRWDISL.....	
SEQ ID NO: 33		.....RPGALMKFLDPFSPRWNI SLFHYRGEGETGANVLVGIQVPKSEM	
SEQ ID NO: 34		SPLALDERLFRFEFFPERPGALMKFLSSMAPDWNISLFHYRNQADYSSILVGLQVPQADH	
SEQ ID NO: 29	481	DEFKSHANNLGYEYMSEHNNEIYRLLLRDPKV	512
SEQ ID NO: 31		.....	
SEQ ID NO: 33		DEFHDRANKLGVDYKVVNNDDDFQLLMH....	
SEQ ID NO: 34		AEFERFLAALGYPYVEESANPAYRLFIS.....	

**Fig. 6A**

SEQ ID NO:36	126	GCAGATCAAGAAGATGGCAGCTCTCGACACCTTCCCTCTTCACCTCGGAGTCTGTGAACG	185
SEQ ID NO:37	774	GCAGATAGGAGAAGATGGCCGCACTTGATACCTTCCCTCTTTACCTCGGAGTCTGTGAACG	833
SEQ ID NO:36	186	AGGACACCCCTGACAAGCTCTGCGACCAAGTCTCAGATGCCGTTCTTGACGCTTGCCCTTG	245
SEQ ID NO:37	834	AGGGCCACCCTGACAAGCTCTGCGACCAAGTCTCAGATGCTGTGCTTGATGCCTGCCTCG	893
SEQ ID NO:36	246	CTGAGGACCCCTGACAGCAAGGTTGCTTGTGAGACCTGCACCAAGACCAACATGGTCATGG	305
SEQ ID NO:37	894	CCGAGGACCCCTGACAGCAAGGTCGCTTGTGAGACCTGCACCAAGACAAACATGGTCATGG	953
SEQ ID NO:36	306	TCCTTTGGTGAGATCACCAACCAAGGCCAAATGTCGACTACGAGAAGATTGTGAGGGAGACCT	365
SEQ ID NO:37	954	TCCTTTGGTGAGATCACCAACCAAGGCTAACGTTGACTATGAGAAGATTGTGAGGGAGACAT	1013
SEQ ID NO:36	366	GCCGCAACATTGGTTTTTGTGTCAAACGATGTCGGGCTTGACGCTGACCACTGCAAGGTGC	425
SEQ ID NO:37	1014	GCCGTAAACATCGGTTTTTGTGTGCTAGCTGATGTCGGTCTCGATGCTGACCACTGCAAGGTGC	1073
SEQ ID NO:36	426	TCGTGAACATTGAGCAGCAGTCCCCCTGATATTGTCTCAGGGTGTGCATGGCCACTTCACCA	485
SEQ ID NO:37	1074	TTGTGAACATCGAGCAGCAGTCCCCCTGACATTGCACAGGTTGTGCACGGGCACTTCACCA	1133
SEQ ID NO:36	486	AGCGCCCCGAGGAGATTGGAGCTGGTGACCAAGGACACATGTTCCGGGTATGCGACCGATG	545
SEQ ID NO:37	1134	AGCGCCCTGAGGAGATTGGTGTCTGGTGACCCAGGGACACATGTTTGGATATGCAACTGATG	1193



Fig. 6B

SEQ ID NO:36 546 AGACCCCTGAGTTGATGCCCCCTCAGCCATGTCCCTTGCCACCAAGCTAGGTGCTCGTCTCA 605  
|||||  
SEQ ID NO:37 1194 AGACCCCTGAGTTGATGCCCCCTCAGCCATGTCCCTTGCTACCAAGCTTGGCGCTCGTCTTA 1253  
|||||  
SEQ ID NO:36 606 CCGAGGTCCGCAAGAACGGAACCTGCCCTGGCTCAGGCCCTGATGGGAAGACCCAGGTGA 665  
|||||  
SEQ ID NO:37 1254 CCGAGGTTCGCAAGAAATGGGACCTGGGCATGGCTCAGGCCCTGACGGGAAGACCCAAAGTGA 1313  
|||||  
SEQ ID NO:36 666 CAGTCGAGTACCGCAATGAGGGTGGTGCCATGGTCCCCATCCGTGTCCACACCGTCCCTCA 725  
||  
SEQ ID NO:37 1314 CTGTTGAGTACCGCAATGAGAGCGGTGCCAGGGTCCCTGTCCGTGTCCACACCGTCCCTCA 1373  
|||||  
SEQ ID NO:36 726 TCTCCACCCAGCAGCAGACAGTGACCAATGATGAGATCGCTGTGACCTGAAGGAGC 785  
|||||  
SEQ ID NO:37 1374 TCTCTACCCAGCATGATGAGACAGTCACCAACGATGAGATTGCTGCTGACCTGAAGGAGC 1433  
|||||  
SEQ ID NO:36 786 ATGTCAATCAAGCCCTATCATCCCTGAGCAGTACCTTGACGAGAAGACCATCTTCCACCTTA 845  
|||||  
SEQ ID NO:37 1434 ATGTCAATCAAGCCCTGTCAATCCCGAGCAGTACCTTGATGAGAAGACAAATCTTCCATCTTA 1493  
|||||  
SEQ ID NO:36 846 ACCCATCCGGCCGCTTTGTCAATTGGTGGACCTCACGGCGGATGCTGGCCCTCACTGGCCGCA 905  
|||||  
SEQ ID NO:37 1494 ACCCATCTGGTCGCTTCGTCAATTGGCGGACCTCAATGGTGATGCTGGTCTCACTGGCCGGA 1553  
|||||  
SEQ ID NO:36 906 AGATCATCATTTGACACCTACGGTGGCTGGGGAGCCCATGGCGGTGGCGCTTTCTCCGGCA 965  
|||||  
SEQ ID NO:37 1554 AGATCATCATTTGACACTTATGGTGGCTGGGGAGCTCACGGTGGTGGTGCCTTCTCTGGCA 1613  
|||||

Fig. 6C

```
SEQ ID NO:36 966 AGGACCCAAACCAAGTTGACCGCAGCGGAGCCTATGTCCGAGGCAGGCTGCCAAGAGCA 1025
|||||
SEQ ID NO:37 1614 AGGACCCAAACCAAGTTGACCGCAGTGAGCATACGTCCGAAGGCAAGCTGCCAAGAGCA 1673
|||||

SEQ ID NO:36 1026 TCGTCGCCAGCGGCCTTGCTCGCCGCGCCATCGTCCAGGTGTCTACGCCATCGGCGTGC 1085
|||
SEQ ID NO:37 1674 TTGTTGCTAGTGGCCTTGCTCGCCGCTGCATTGTCCAAGTATCATACGCCATCGGTGTCC 1733
|||||

SEQ ID NO:36 1086 CCGAGCCTCTCTCCGTGTTTGTGACACGTACGGCACCGGCGCGATCCCCGACAAGGAGA 1145
|||||
SEQ ID NO:37 1734 CAGAGCCACTGTCCGTATTTCGTGACACATACGGCACTGGCAGGATCCCTGACAAGGAGA 1793
|||||

SEQ ID NO:36 1146 TCCTCAAGATTGTCAAGAGAACTTCGATTTTCAGGCCTGGCATGATTATCATCAACCTTG 1205
|||||
SEQ ID NO:37 1794 TCCTCAAGATTGTGAAGGAGAACTTCGACTTCAGGCCTGGCATGATCATCAACCTTG 1853
|||||

SEQ ID NO:36 1206 ACCTCAAGAAAGCGGCAACGGGCGCTACCTCAAGACGGCAGCCTACGGCCACTTCGGAA 1265
|||||
SEQ ID NO:37 1854 ACCTCAAGAAAGCGGCAACGGACGCTACCTCAAGACGGCGGCTTACGGTCACTTCGGAA 1913
|||||

SEQ ID NO:36 1266 GGGACGACCCCTGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCACTCAAGTCGGAGAAACCTTCTG 1325
|||||
SEQ ID NO:37 1914 GGGACGACCCAGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCCTCAAGTGGGAGAACCTTCTG 1973
|||||

SEQ ID NO:36 1326 CCTAAGCGGCGCCTTTT 1341
|||||
SEQ ID NO:37 1974 CCTAAAAGCTCCCTTT 1989
|||||
```

**Fig. 7A**

SEQ ID NO:38	80	GAGACATTCTTATTTACCTCAGAGTCAGTGAAACGAGGGACACCCTGCACAAGCTCTCGCAC	139
SEQ ID NO:40	123	GAAACTTTCTTATTCACCTCCGAGTCTGTGAACGAGGGTCACCCAGACAAGCTCTGTGAT	182
SEQ ID NO:38	140	CAAATCTCCGATGCTGTCTCGACGCTTGCCCTTGAAACAGGACCCCAGACAGCAAGGTTGCC	199
SEQ ID NO:40	183	CAGATCTCTGATGCAGTTCTTGATGCCTGCCTTGAGCAAGATCCCCGAGAGCAAAAGTTGCA	242
SEQ ID NO:38	200	TGCGAAACATGCACCAAGACCAACTTGGTCATGGTCTTCGGAGAGATCACCAACCAAGGCC	259
SEQ ID NO:40	243	TGTGAAACTTGCACCAAGACCAACTTGGTCATGGTCTTTGGTGAGATCACAAACCAAGGCT	302
SEQ ID NO:38	260	AACGTTGACTACGAGAAGATCGTGCGTGACACCTGCAGGAAACATCGGCTTCGTCTCAAAC	319
SEQ ID NO:40	303	ATTGTAGACTATGAGAAGATTGTGCGTGACACATGCCGTAATAATTGGATTGTTTCTGAT	362
SEQ ID NO:38	320	GATGTGGGACTTGATGCTGACAACTGCAAGTCCCTTGTAACAATTGAGCAGCAGAGCCCT	379
SEQ ID NO:40	363	GATGTTGGTCTTGATGCTGACAACTGCAAGTCCCTTGTTTACATTGAGCAGCAAAGTCCT	422
SEQ ID NO:38	380	GATATTGCCCAGGGTGTGCACGGCCACCTTACCAAAAAGACCCGAGGAAATCGGTGCTGGA	439
SEQ ID NO:40	423	GATATTGCTCAAGGTGTCCACGGCCAATCTGACCAAACGCCCCGAGGAGATTGGTGTGGT	482
SEQ ID NO:38	440	GACCAGGTCACATGTTTGGCTATGCCACGGACGAAACCCAGAAATTGATGCCATTGAGT	499
SEQ ID NO:40	483	GACCAGGGCCACATGTTTGGCTATGCAACACAGATGAGACCCCTGAATTAATGCCCTCTCAGT	542

SEQ ID NO:38	500	CATGTTCTTGCAACTAAACCTCGGTGCTCGTCTCACCGAGGTTTCGCAAGAACGGAACCTGC	559
SEQ ID NO:40	543	CACGTGCTTGCAACTAAACCTTGGTGCCCGTCTTACAGAAGTCCGCAAGAATGGCACCTGC	602
SEQ ID NO:38	560	CCATGGTTGAGGCCCTGATGGGAAAAACCCAAGTGACTGTTGAGTATTACAATGACAACCGGT	619
SEQ ID NO:40	603	GCCGTGTTGAGGCCCTGATGGCAAGACCCCAAGTTACTGTTGAGTATAGCAATGACAATGGT	662
SEQ ID NO:38	620	GCCATGGTTCAGTTTCGTGTCCACACTGTGCTTAATCTCCACCACCAACATGATGAGACTGTG	679
SEQ ID NO:40	663	GCCATGGTTCCAAATTAGGGTACACACTGTTCTTATCTCCACCACCAACGATGAGACCGTT	722
SEQ ID NO:38	680	ACCAACGACGAAAATTGCAGCTGACCTCAAGGAGCATGTGATCAAAGCCGGTGATCCCCGAG	739
SEQ ID NO:40	723	ACCAATGATGAGATTGCCCGCAGCCTTAAGGAGCATGTCAATCAAACCAGTCATCCCAGAG	782
SEQ ID NO:38	740	AAGTACCTTGATGAGAAAGACCATTTCACACTTGAACCCCTCTGGCCGTTTTGTCAATTGA	799
SEQ ID NO:40	783	AAGTACCTTGATGAGAAATACTATTTTCCACCTTAACCCCATCTGGCCGATTTCGTTATTGGT	842
SEQ ID NO:38	800	GGTCCTCACGGTGATGCTGGTCTCACCGGCCGCAAGATCATCATCTGATACTTACGGAGGA	859
SEQ ID NO:40	843	GGACCTCATGGTGATGCTGGTCTCACTGGTCTGTAATAATCATCATCGACACTTATGGTGGT	902
SEQ ID NO:38	860	TGGGGTGCTCATGGTGGTGGTCTTCTCCGGGAAGGATCCACCAAGTTGATAGGAGT	919
SEQ ID NO:40	903	TGGGGTGCTCATGGTGGTGGTGGTCTTCTCGGGCAAGACCCCAACCAAGGTCGACAGGAGT	962

Fig. 7C

```
SEQ ID NO:38  920  GGTCCTTACATTGTGAGACAGGCTGCTAAGAGCATTGTGGCAAGTGGACTAGCCAGAAGG  979
              ||||| ||||| || ||||| || ||||| || || ||||| || || ||||| || || |||||
SEQ ID NO:40  963  GGTCATACATTGTAAGGCAGGCTGCAAGAGTATCGTAGCTAGTGGACTTGTCTCGTAGA  1022
              ||||| ||||| || ||||| || ||||| || || ||||| || || ||||| || || |||||

SEQ ID NO:38  980  TGCATTGTGCAAGTGTCTTATGCCATTGGTGTGCCCGAGCCCTTGTCTGTCTTTGTTGAC  1039
              ||||| ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || |||||
SEQ ID NO:40  1023  TGCATCGTGCAGGTATCTTATGCCATCGGTGTGCCTGAGCCATTGTCTGTATTTCGTTGAC  1082
              ||||| ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || |||||

SEQ ID NO:38  1040  ACCTATGGCACCGGGAAGATCCATGATAAGGAGATTCTCAACATTGTGAAGGAGAACTTT  1099
              ||||| ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || |||||
SEQ ID NO:40  1083  ACCTATGGCACTGGAAAGATCCCTGACAGGGAATTTTGAAGATCGTTAAGGAGAACTTT  1142
              ||||| ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || |||||

SEQ ID NO:38  1100  GATTTCAGGCCCGGTATGATCTCCATCAACCTTGATCTCAAGAGGGGTGGGAATAACAGG  1159
              || ||||| || || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| ||
SEQ ID NO:40  1143  GACTTCAGACCCTGGAATGATGTCCATTAACTTGGATTTGAAGAGGGGTGGCAATAGAAGA  1202
              ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || |||||

SEQ ID NO:38  1160  TTCTTGAAGACTGCTGCATATGGACACTTCGGCAGAGAGGACCCCTGACTTCACATGGGAA  1219
              ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || |||||
SEQ ID NO:40  1203  TTCTTGAAAAACTGCTGCCCTATGGTCACTTTGGACGTGATGACCCCGATTTCACATGGGAA  1262
              ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || ||||| || |||||

SEQ ID NO:38  1220  GTGGTCAAGCCCCCTCAAGTGGGAGAAAGGCCCTAAGGCCATTTCATTCCTCCACTGCAATGTGCTG  1279
              || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||
SEQ ID NO:40  1263  GTTGTCAAGCCCCCTCAAGTGGGAAAAAGCCCCCAAGACTAATAAGTGCTTGCCTATGTTTTT  1322
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38  1280  GGAGTTTTTTT  1289
              | ||| |||
SEQ ID NO:40  1323  GTTCCTTTGTT  1332
```

**Fig. 8A**

SEQ ID NO:42	41	AGCAGCGCAAGGGCATCGTCTAGCACACTAAAGAAAATGGCAGCCGAGACGTTCTCTTCACGT	100
SEQ ID NO:43	23	AACTGCACGAGAGCATCTCTACCACCAAAGAAATGGCGGCCGAGACGTTCTCTTCACGT	82
SEQ ID NO:42	101	CCGAGTCTGTGAACGAGGGCCATCCCGACAAGCTCTGTGACCAAGTCTCCGACGCCGTCT	160
SEQ ID NO:43	83	CCGAGTCCGTGAACGAGGGCCATCCCGACAAGCTGTGCGACCAAGTCTCTGACGCCGTCT	142
SEQ ID NO:42	161	TGGATGCCCTGCTTGCCCCCAGGATGCCGCACAGCAAGGTGCGCTGCGAGACCGTCACCAAGA	220
SEQ ID NO:43	143	TGGACGCCCTGCTTGCCCCCAGGATCCCTGACAGCAAGTTGCTTGCGAGACCTGCACCAAGA	202
SEQ ID NO:42	221	CCAACATGGTCATGGTCTTGGCGGAGATCACCAAGGCCACCGTCGACTATGAGAAGA	280
SEQ ID NO:43	203	CCAACATGGTCATGGTCTTCCGGCGAGATCACCAAGGCCACCGTTGACTATGAGAAGA	262
SEQ ID NO:42	281	TCGTGCGTGACACCTGCCGCAACATCGGTTTCATCTCTGATGACGTTGGTCTCGACGCCG	340
SEQ ID NO:43	263	TTGTGCGCGACACCTGCCGTGACATCGGCTTCATCTCTGACGACGTCGGTCTCGATGCCG	322
SEQ ID NO:42	341	ACCGTTGCAARGTGCTCGTCAACATCGAGCAGCAGTCCCCCTGACATTGCCCAGGGTGTTT	400
SEQ ID NO:43	323	ACCATTGCAAGGTGCTCGTCAACATCGAGCAGCAATCCCCCTGACATTGCCCAGGGTGTTT	382
SEQ ID NO:42	401	ATGGACACTTCACCAAGCGTCCCGAAGAAAGTCGGCGCCGGTGACCCAGGGCATCATGTTCTG	460
SEQ ID NO:43	383	ACGGACACTTCACCAAGCGTCCAGAAAGAGGTGCGCGCCGGTGACCCAGGGCATCATGTTTG	442
SEQ ID NO:42	461	GCTATGCCACCGATGAGACCCCCTGAGCTGATGCCCTCAAGCACGTCGTTGCCACCAAGC	520
SEQ ID NO:43	443	GCTACGCCCACTGATGAGACCCCCTGAGCTGATGCCCTCACCCACATGCTTGCCACCAAGC	502

**Fig. 8B**

SEQ ID NO:42	521	TYGGAGCTCGCCTCACSGAGGTCCGCAAGAAATGGCAACCTGCGCCTGGGTACAGGCCTGACG	581
SEQ ID NO:42	503	TCGGAGCTCGCCTCACCGAGGTCCGCAAGAAATGGCAACCTGCGCCTGGCTCAGGCCTGATG	562
SEQ ID NO:42	581	GAAAGACCCAGGTACAGTCGAGTACCTAAACGAGGATGGTGCCATGGTACCTGTTTCGTG	640
SEQ ID NO:43	563	GAAAGACCCAGGTACCATTTGAGTACCTAAACGAGGGTGGTGCCATGGTGCCCCGTTTCGTG	622
SEQ ID NO:42	641	TGCACACCGTCCTCATCTCCACCCAGCACGACGAGACCGTCACCAACGACGAGATTGCTG	700
SEQ ID NO:43	623	TGCACACCGTCCTCATCTCCACCCAGCATGATGAGACCGTCACCAACGATGAGATCGCTG	682
SEQ ID NO:42	701	CGGACCTCAAGGAGCATGTTCATCAAGCCCGGTGATCCCCCGCAAAGTACCTCGATGAGAACA	760
SEQ ID NO:43	683	CAGACCTCAAGGAGCATGTTCATCAAGCCCGGTGATCCCCGGAAGTACCTCGATGAGAACA	742
SEQ ID NO:42	761	CCATCTTCCACCTGAACCCGCTTGCGCGCTTCGTTCATCGCGGCCCCCACGGTGACGCCG	820
SEQ ID NO:43	743	CCATCTTCCACCTGAACCCCATCGGGCCGCTTTGTTCATCGGTGGCCCTCACGGCGATGCCG	802
SEQ ID NO:42	821	GTCTCACCGGCCGCAAGATCATTCGACACCTATGGTGGCTGGGGAGCCCCACGGCGGCG	880
SEQ ID NO:43	803	GTCTCACCGGCCGCAAGATCATTCGACACCTATGGTGGCTGGGGAGCCCCACGGCGGCG	862
SEQ ID NO:42	881	GTGCCTTCTCTGGCAAGGACCCCAACCAAGGTGACCCGYAGTGGCGCCTACATTGCCAGGC	940
SEQ ID NO:43	863	GTGCCTTCTCTGGCAAGGACCCCTACCAAGGTGACCCGCGAGTGGCGCCTACATTGCCAGGC	922

Fig. 8C

```
SEQ ID NO:42  941  ARGCCGCCAAGAGCATCATGCCAGCGGCCTCGCACGCCGCTGCTGATTGTGCAGATCTCAT 1000
              ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  923  AGGCTGCCAAGAGCATCATGCCAGCGGCCTCGCACGCCGCTGCTGATTGTGCAGATCTCAT 982

SEQ ID NO:42  1001  ACGCCATCGGTGTGCCCTGAGCCCTTTGTCTGTGTTTCGTCGACTCCTACGGCACCGGCAAGA 1060
              | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  983  ATGCCATCGGTGTACCTGAGCCCTTTGTCTGTGTTTCGTCGACTCCTACGGCACTGGCAAGA 1042

SEQ ID NO:42  1061  TCCCCGACAGGGAGATCCTCAAGCTCGTGAAGGAGAACTTTGACTTCAGGCCCGGGATGA 1120
              |||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1043  TCCCTGACAGGGAGATCCTCAAGCTCGTGAAGGAGAACTTTGACTTCAGACCCGGGATGA 1102

SEQ ID NO:42  1121  TCAGCATCAACCTGGACTTGAAGAAAGGTGGAACACAGGTTTCATCAAGACCGCTGCTTACG 1180
              ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1103  TCACGATCAACCTCGACTTGAAGAAAGGTGGAACACAGGTTTCATCAAGACAGCTGCTTACG 1162

SEQ ID NO:42  1181  GTCACTTTGGCCGCGTGATGATGCCGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCCTCAAGTTCG 1240
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1163  GTCACTTTGGCCGCGTGATGATGCTGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCCTCAAGTTCG 1222

SEQ ID NO:42  1241  ACAAGGCATCTGCCCTAAGAGCATGGCAT 1268
              ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1223  ACAAGGCATCTGCTTAAGAAGAAGACAT 1250

SEQ ID NO:42  1271  TCTTGGTCTGCCGCCCTCTCAAGTTCTGTCAAGACGGGATCATGTTGCTCCTGGGAAGTGGG 1330
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1266  TCTTGGTCTGATGCCTCTCAAGTTCTGGCAAGGCGGGATCCTTTTGTCTCCTCGGAAGTAAG 1325

SEQ ID NO:42  1331  AAGAAGCATTAGACATTG 1348
              ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1326  AAGAAGCATTCAACATCG 1343
```